

	10	20	30	40	50	60
SEQIDNO:1 5789228	ATGATAAACCGTTGCAACCGGAGAGGAGACCCCAATACACCCCTTTGAGCTCAAGTCGCTG					
SEQIDNO:45 09/914543	atga-----gcaa--gaaaa-agtttgctc--ggtatctac--taacaa--tc					
	70	80	90	100	110	120
SEQIDNO:1 5789228	GGCTTTTCAGACACCCCACTAGCTTCTTTCACGGCCCTATGGAGTAGCAACTGCGAGGAACA					
SEQIDNO:45 09/914543	-ctttcagtagcaggca--ta--tatt--t--gtagaaa--agvatca					
	130	140	150	160	170	180
SEQIDNO:1 5789228	TGTCTCTCCAGATCAAGAGCCTTGGCTTTCAATGCGATTAAGGCTTTCCCTTTCTGTACCCAGT					
SEQIDNO:45 09/914543	taectctgagga--caag--tcaacttcaa--ata--cct--ca--tc					
	190	200	210	220	230	240
SEQIDNO:1 5789228	CAGTAAACCGGGGAGCAGTCCCAACCGCGATTCAGCTACGCCAACAACCCAGACCTCCAGG					
SEQIDNO:45 09/914543	c--taca--cc--acc--caaaa--caac--acttt--ccacta--cca--agg					
	250	260	270	280	290	300
SEQIDNO:1 5789228	CTCTTTGACAGCCTCCAGATAATGCGATAAATAATGCAAGAACCTTGGAGACCTTGGCGATAT					
SEQIDNO:45 09/914543	ttct--ca--agatta--gataccctgat--gacgg--tg--tag--tggc--cag--					
	310	320	330	340	350	360
SEQIDNO:1 5789228	TCGTGCTGCTCGACTACCAACAGAAATAGGATGCAACTTCATAGAACCCCTATGGTACACCG					
SEQIDNO:45 09/914543	-gagctcct--tatt--gataaggatgg--t--ga--tggga--accc					
	370	380	390	400	410	420
SEQIDNO:1 5789228	ACAGCTTCTGCGAGCAGACGTTGATTAACAGCTTGGCTTGAAGTCCGCCAGAGGTTTGGC					
SEQIDNO:45 09/914543	agaa--ttct--ca--tctga--t--ataaac--ctatg--gaa--ca--ttctta					
	430	440	450	460	470	480
SEQIDNO:1 5789228	AAGTTACTGCAACCTTATCGGCGCGAACCTGAAAGAACCAACCCACACCTCAAGCCCCCG					
SEQIDNO:45 09/914543	atgctactgga--ttct--gctga--gatga--cgtac--aat--ta--ccagg					
	490	500	510	520	530	540
SEQIDNO:1 5789228	ACCTGCGCGCTACAGTACCGCAAGTGGCGCGAGGTCGCGAATGCGCAAGTACCGCAGCGA					
SEQIDNO:45 09/914543	g--gggtccctcaact--aggtc--caacaactt--ga					
	550	560	570	580	590	600
SEQIDNO:1 5789228	CTGGAAACCTGCGCGCTGAGAGGATAGGAACGCAATTCTGGAGGCTGCCCCACAATGGGT					
SEQIDNO:45 09/914543	c--aaacactgctct--tgag--ggatag--aagt--aatt--gggtgc--atgg--					
	610	620	630	640	650	660
SEQIDNO:1 5789228	TATATTTCTTTCAGGCAACCCAGTTTACCCAGCGGGCCATACAGCGTAGCTACAAAGTCCGC					
SEQIDNO:45 09/914543	-ata--ccccgaata--ttctta--tgg--					
	670	680	690	700	710	720
SEQIDNO:1 5789228	CCACAACCCCTGGTGGGGCGGAAACCTTATGGGTGTTAGCAAGTACCCAGTTAACTGCC					
SEQIDNO:45 09/914543	--a--aac--aagcc--atgg--aa--tgc--aaactacg					
	730	740	750	760	770	780
					

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

CAGGGACACGGTTGCTTTACACCCCGGACGTTTCAGACGTTTACGACCAGCCCTA
ca--ac--tgac--ggccc--aa--aac--ca--ttac--ccag--ta

790 800 810 820 830 840

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

CTTTGACCCCGGTGACGGGTTCCCGGACAACCTCCCGGAAATATGGTACCAACCACTTCGG
--aag--tttc--aaacct--aa--cag--acttc--

850 860 870 880 890 900

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

CTACCTAAAGCTTGATCTCGGTTACCCCTCTTCTGTTATGCTGAGTTTCGAGGCAACTACCG
--tatctaa--ca--atctc--ctat--aaacttgag--cc--caagsacgg

910 920 930 940 950 960

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

CCATGGGGGAGACCCGAGGGATCTCACTTCCGAGAACAAACATAATAGACTGGATCATCCA
cc--tg--cc--a--at--taacttgcga--atagaatc--ctgggttaa--cga

970 980 990 1000 1010 1020

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

GAACAAATTCCTGTGACTTCTTTTACTGACCTTCGAACCAACACAGCCGTGACACCCGTGG
gag--aagc--tg--gaga--ac--aacaggaatt--aacagcga--tga--gcaag

1030 1040 1050 1060 1070 1080

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

AATTCCTCAAGCATCACTGGAACCAACAATATGGGAGGACAACCTACAACAACCTCAAGAGGCT
aagc--aatgat--atggattt--actatg--ac--ggattacaaccggctg--gct

1090 1100 1110 1120 1130 1140

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

CAGGACACGGCTGCTCGGAACCCCTCTGCCCCGCTCGTCCCCACGACACTACACACAC
cc--aag--taagga--g--attg--ta--gtccc--aat

1150 1160 1170 1180 1190 1200

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

AAGCACACCGCCAAACGACCACAACGACTACAACATCCAATCCAAACGACCACTACCCAGAC
a--ata--gttaacg--ga--aca--ccagta--aatg--ctac--

1210 1220 1230 1240 1250 1260

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

CCCGACGACGACTACTCCATCTTCCACACCGAGGAGGACACACTCCCTCAAATTAACCT
--atttgaggttg--aagg--ca--a--acat--gggtggggtatgt

1270 1280 1290 1300 1310 1320

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

CCCATTTGAAATTTGTGAACCTTCTCCCACTAGCTCCCACTACGAGGGAACCCAGCGTGA
tgcatttagaat--aaaga--cccc--a--ta--ca--aagaggggaac--a

1330 1340 1350 1360 1370 1380

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

GGTTCGATGTGATGGAACCACTCTGCCCCTCAGCGCTTTGGGAGCTCCCAACCTCTGCG
g--tga--caat--tcca--tacggagc--atttata--

1390 1400 1410 1420 1430 1440

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

AGTCGTTAAAAATCGGAAACGCCACCATGGAACCCCAACGTTTGGGGCTGGGAGGACCTTTA
agt--gtt--gc--ag--ccaacattt--c--aagccta

1450 1460 1470 1480 1490 1500

SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

CAGCACTCCAGCCGACGCAATTGCTGACCGGACGACAAAGATGCGAGATACCAACCGGGT
ccaattacac--agaacttt--acttagaggac--gtggagatt--ggaac--t

1510 1520 1530 1540 1550 1560
SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

1570 1580 1590 1600 1610 1620
SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543

1630 1640 1650 1660
SEQIDNO:1 5789228
SEQIDNO:45 09/914543